

SIMCORTE
Simpósio de Produção de Gado de Corte

Análise de associação genômica ampla associa o gene *Lin-28* à idade ao primeiro parto na raça Nelore¹

Susana Amaral Teixeira², Rodrigo Reis Mota³, Jurandy Mauro Penitente-Filho³,
Simone E. Facioni Guimarães⁴, Fabyano Fonseca e Silva⁵, José Domingos Guimarães⁶

¹Parte do projeto de bolsa de pós doutorado do segundo autor

²Estudante de Mestrado em Zootecnia e-mail: susana.teixeira@ufv.br

³Estudante de pós-doutorado em Zootecnia

⁴Professora Associada do Departamento de Zootecnia, DZO/UFV, Viçosa – MG, Brasil. e-mail: sfacioni@ufv.br

⁵Professor Associado do Departamento de Zootecnia, DZO/UFV, Viçosa-MG, Brasil

⁶Professor Associado do Departamento de Veterinária, DVT/UFV, Viçosa-MG, Brasil

Palavras-chave: genética molecular, gene candidato , puberdade

Resumo: A raça Nelore é considerada uma das raças de bovinos de corte melhor adaptadas às condições edafoclimáticas e de manejo brasileiras. No entanto, as falhas reprodutivas, como a baixa eficiência reprodutiva, têm sido responsáveis pelo alto índice de descarte das fêmeas bovinas do rebanho, promovendo aumento no intervalo de geração, atrasos no progresso do melhoramento genético, além de aumentar os prejuízos na cadeia produtiva da carne. Dentre as características reprodutivas, a idade ao primeiro parto (IPP) tem sido bastante utilizada nos programas de melhoramento de gado de corte, uma vez que está relacionada à maior ou menor eficiência reprodutiva da fêmea dentro do rebanho. A IPP é uma característica reprodutiva de baixa herdabilidade, em torno de 0.24, ou seja, o genótipo influencia pouco na expressão desse fenótipo. Objetivou-se com este trabalho, caracterizar regiões cromossômicas que expliquem as diferenças na IPP na raça Nelore via GWAS (Genomic Wide Association Selection). Para genotipagem dos animais utilizou-se painéis Illumina High-Density Bovine SNPs (Single Nucleotide Polimorfism) a fim de identificar genes que possivelmente afetem a IPP na raça Nelore. Foram utilizados 2992 animais para as análises. As análises estatísticas foram realizadas através dos *softwares* R e da família BLUPF90. Os genes candidatos localizados em um mesmo cromossomo foram avaliados segundo desequilíbrio de ligação e aqueles que explicaram a variância genética acima de 0,40% foram considerados. Foi identificado no cromossomo BTA9 o gene *Lin-28* Homólogo B (LIN28B), mapeado entre as posições de 45,6 Mb e 46,6 Mb. O gene *Lin-28* codifica para uma proteína de ligação ao RNA responsável por regular algumas vias biológicas fundamentais dos organismos, como por exemplo, processos de transição entre as fases juvenil e adulta em mamíferos e seres invertebrados. Além disso, o gene está envolvido na regulação e função do eixo reprodutivo. Em humanos, o *Lin-28* já foi descrito como responsável por codificar proteínas fortemente relacionadas à idade precoce de início da menarca fisiológica. O mecanismo fisiológico da menarca atua como marcador do início da vida reprodutiva da fêmea e, tratando-se de novilhas, a precocidade na vida reprodutiva implica em maior número de partos ao longo da vida útil e assim, em maior rentabilidade do sistema. Em roedores, esse gene foi relacionado à influência no gigantismo e ao atraso do início da puberdade. A identificação desse gene na raça Nelore pode auxiliar em uma melhor compreensão dos mecanismos biológicos inerentes à IPP, além de contribuir com o entendimento dos mecanismos moleculares que regulam a fertilidade.